



*Celgene Corporation, il Dana-Farber Cancer Institute e la University of Arkansas for Medical Sciences hanno dato vita al Myeloma Genome Project. Il progetto creerà il più grande set di dati di profiling molecolare per pazienti con mieloma multiplo da cui nasceranno test che potrebbero migliorare la diagnosi, la prognosi e i nuovi trattamenti*



Summit, New Jersey (Stati Uniti), 13 dicembre 2016 –

Celgene Corporation, il Dana-Farber Cancer Institute e la University of Arkansas for Medical Sciences hanno annunciato la creazione del *Myeloma Genome Project*, una collaborazione che si prefigge di generare il più ampio set di dati genomici e clinici di alta qualità allo scopo di identificare, nell'ambito del mieloma multiplo, segmenti di malattia molecolare distinti.

Il fine dell'iniziativa è sviluppare test clinicamente rilevanti. I dettagli del progetto e l'iniziale caratterizzazione, così come le analisi preliminari per i pazienti con mieloma multiplo di nuova diagnosi, sono stati presentati dal dott. Brian Walker della University of Arkansas for Medical Sciences in occasione del 58° convegno annuale dell'American Society of Hematology tenutosi a San Diego, California (USA).

“Il Myeloma Genome Project è un'iniziativa davvero interessante che potrebbe cambiare il nostro modo di gestire i pazienti con mieloma”, ha affermato il dottor Gareth Morgan, che dirige il Myeloma Institute presso la University of Arkansas for Medical Sciences.

Le attuali tecnologie hanno scoperto cinque principali gruppi di traslocazioni nei pazienti affetti da mieloma e queste alterazioni hanno dimostrato di produrre effetti diversi sulla prognosi. Il *Myeloma Genome Project* si concentra anche su gruppi di mutazioni e traslocazioni minori spesso descritte in modo insufficiente a causa del numero esiguo di campioni in set di dati limitati. Il gruppo ha costituito un insieme di 2161 pazienti per i quali erano disponibili il sequenziamento dell'intero esoma (Whole Exome Sequencing; n=1436), il sequenziamento dell'intero genoma (Whole Genomic Sequencing; n=708), il sequenziamento mirato di pannelli di geni (n=993) e i dati di espressione provenienti dal sequenziamento dell'RNA e dagli *array* di espressione genica (n=1497). I dati sono stati raccolti dallo studio Myeloma XI

(Regno Unito), dall'Intergroupe Francophone du Myeloma/Dana-Farber Cancer Institute, dal Myeloma Institute presso la University of Arkansas for Medical Sciences e dalla Multiple Myeloma Research Foundation.

“Comprendere i diversi sottogruppi del mieloma multiplo che presentano una patogenesi e un comportamento clinico distinti è cruciale quando si cerca di sviluppare nuove terapie, in particolare quando si prende in considerazione un approccio mirato – ha affermato il dott. Rob Hershberg, M.D. Ph.D., Executive Vice President e Chief Scientific Officer di Celgene – Da questa collaborazione ci attendiamo risultati utili per la ricerca e per i pazienti”.

“Aprire la strada verso lo sviluppo di terapie ‘targeted’ e personalizzate per migliorare gli outcome nel trattamento del mieloma, è la finalità del Myeloma Genome Project”, ha spiegato il dott. Nikhil Munshi, Direttore della Divisione Basic and Correlative Science presso il Jerome Lipper Multiple Myeloma Center del Dana-Farber Cancer Institute.

Nell'ambito del *Myeloma Genome Project* si è iniziato ad integrare ampi e diversificati set di dati genomici e si stanno identificando i dati genetici potenzialmente in grado di fornire informazioni sui bersagli clinici per la terapia. Mentre le analisi sono tutt'ora in corso, gli attuali sforzi dimostrano chiaramente la fattibilità di questi approcci; i membri promotori dell'iniziativa prevedono di espandere la collaborazione per includere centri di ricerca e istituzioni e presentare gli aggiornamenti sul progetto a convegni medici e scientifici oltre che su pubblicazioni su riviste *peer-reviewed*.

*fonte: ufficio stampa*